

Fig. 1A & 1B

A.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32  MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKKGTFLFTSYRVVF
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  MALNKNHSEGG-GVIVNNTESILMSYDHVELTFNDMKNVPEAFKGTGGTVYLTTPYRVIF
      10      20      30      40      50

      70      80      90      100     110     120
PT32  VTSHLVNDPMLSEFMPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      ... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  LSKG--KDAQSFMPFYLMDCEIKQPVFGANFIKGIKAEAGGWEGSASYKLTFTTAG
      60      70      80      90      100     110

      130     140     150     160     170
PT32  GAIEFAQLMVKAASAAARG-IPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPC ----313
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  GAIEFGQRLQVASQASRGEVNGAYGYPPYPSGAYVFPPP---VANGMYPC ----261
      120     130     140     150     160

```

(SEQ ID NO: 19)
(SEQ ID NO: 17)

B.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32  MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKKGTFLFTSYRVVF
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  MAVNQNHVTDRRWAAIPHGESLLKKCEVDLSFPQSPPGSNLFSGTRGALFLTSYRVIF
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120
PT32  VTSHLVNDPMLSEFMPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      .... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  VTSRADNDPMFSEFTMPFHLMNCTVEQPIFGANYIKGTIQAAPDGGWEGSATFKIVFRKG
      70      80      90      100     110     120

      130     140     150     160     170     180
PT32  GAIEFAQLMVKAASAAARGIPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPCPAYPIVIYG
      ..... : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  GAIDFAQLMAKAASAAQGVPLRVASFWMGPLGIYVIT--GDR--NMYAP-QAYQVA-YG
      130     140     150     160     170

      190     200     210     220
PT32  PPPPGYTVQPGEYGTTPPEGYGAQPPGGYGAPPMGYGAPPVGYGV-PPG-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  APPAGYGASPVGYGVPSAGYGAPPAGYGAPPVGYVAPSPGYDVLPPGYGAVRYGSPPLY
      180     190     200     210     220     230

      230     240     250     260
PT32  -----GYGVPPGGYGVPVPPGGYGAPPGGYGVP-----PGGYGAPPGGYGAPP
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  VATPMGYGVPPPGYGPPVRYGSPPPGYEAPTMEYGAQPPRYGTTMPMGSGSPPPRYEAPP
      240     250     260     270     280     290

      270     280     290     300     310
PT32  AGYGAPPAGNEALPP-----AYEAPSAGNTAASHRSMTAQQ---ETSLPTTSSS----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM  MGYGTTPPSGRESIPPGSRATSVAQEAPPAGSEAGHPMSVAVQNPEFQASFPSTSSSQVHS
      300     310     320     330     340     350

```

PT32 ----- (SEQ ID NO: 5)
WBPM PRSKM (SEQ ID NO: 18)

Fig 3A & 3B

0966429.05550.16249860

A.

```
      80      90      100      110      120      130
PT32  MPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKGGAEFAQLMVKAAS
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
WBPH  MPFDLMTNLTVEQPVFAANFIKGTIQAPYGGWEGQATFKLVFRNGDAIEFAQLMVKAAS
      10      20      30      40      50      60

      140      150      160      170      180      190
PT32  AAARGIPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPCPAYPIVIYGPPPPGYTVQPGEYG
      :      :      :      :      :      :      :      :      :      :
WBPH  A-----VIVYGAPPAGYGAPPPGYG
      70      80

      200      210      220      230      240      250
PT32  TPPEGYGAQPPGGYGAPPMGYGAPPVGVGVPPGGYGVPPGGYGVPPGGYGAPPGGYGVPPG
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
WBPH  APPAGYGAQPVGNEGPPVGYRASPVRYGAPPLGYGAPPAGYGAPPPLGYGAPPLGYGTPPL
      90      100      110      120      130      140

      260      270      280      290      300      310
PT32  GYGAPPGGYGAAPPAGYGAAPPAGNEALPPAYEAPSAGNTAASHRSMTAQQETSLPTSSS
      ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
WBPH  GYGAPPLGYGAPPAGNEGPPAGYRASPAGSGARPQESTAA---QAPENEASLPSASSS
      150      160      170      180      190

PT32  ----- (SEQ ID NO: 9)
WBPH  QDKEDDSGQPFLLRKSAFQCLLECDDYLIVR (SEQ ID NO: 10)
      200      210      220
```

B.

```
(SEQ ID NO: 11) 1
(SEQ ID NO: 12) 1 1>
1 ATGCCATTGATCTGATGACGAACCTCACTGTGAACAACAGTATTTGCTGCAAACTTC
21 M P F F D L M T N L T V E Q P V F A A N F
61 ATTAAGGGAACATATTCAGGCAGCTCCATATGGTGGCTGGGAAGGACAAGCTACTTTTAA
21 I K G T I Q A A P Y G G W E G Q A T F K
21 TTAGTCTTCAGAAATGGAGATGCCATTGAATTTGCCAGTTGATGGTGAAGCTGCCTCT
41 L V F R N G D A I E F A Q L M V K A A S
81 GCTGTTGCCCCAGGATTTCCACTTAGAACCTTAAATGACTGGTTGAGCTCTATGGGAATT
61 A V A R G F P L R T L N D W F S S M G I
41 TATGTAATTACTGGGAAGGAATATGTGCACTCCACAGATGCCTTGTTCAGTTATTGTC
81 Y V I T G E G N M C T P Q M P C S V I V
301 TATGGGGCCCCACCTGCAGGATATGGAGCCCCACCTCCCGGATACGGAGCCCCACCTGCA
101 [Y G A P P A G][Y G A P P P G][Y G A P P A
361 GGATATGGAGCCCCAACCGTAGGAAATGAAGCCCGCTGTGGGATACAGAGCCTCACCT
121 G] Y G A Q P V G N E G P P V G Y R A S P
421 GTGCGATATGGAGCCCCACCTCTTGGATACGGAGCCCCACCTGCAGGATATGGAGCCCCA
141 V R [Y G A P P L G][Y G A P P A G][Y G A P
481 CCTCTAGGATATGGAGCCCCACCTCTTGGATATGGAACCCACCTCTCGGATATGGAGCC
161 P L G][Y G A P P L G][Y G T P P L G][Y G A
541 CCACCTCTCGGATATGGAGCCCCACCTGCAGGAAATGAAGCCCGCTGCGGGATACAGA
181 P P L G][Y G A P P A G] N E G P P A G Y R
601 GCCTCACCTGCTGGATCAGGAGCCAGGCCCTCAGGAATCTACAGCAGCCAGGCTCCTGAA
201 A S P A G S G A R P Q E S T A A Q A P E
661 AACGAGGCTTCTCTTCCCTCTGCCTCCTCTTCTCAGGTCCATTCTTAACCTTCTAAGATG
221 N E A S L P S A S S S Q V H S ... P S K M
TAAACCTTGAAGACTCACCAAGCAAAGAGGTACCCTAAAATTGAAGTCAGGATAAGGAGG
ACGACTCAGCTTAGAGTCATTGATTGATCTGCATTGTGAAAATTAGGAAACCAGATGCTC
CCATGTTCTCAAGGACGACCTTCTTAAGGAAGTCAGTACGTGGGCAACAGTGATGAGAG
GAAGAGAGGAGAGACTCAACCAACTAGAGCAGGGATAAGGTTTCCCTTGTTCAGCTTTTC
AGTGTCTGCTGGAATGTGATGATTACCTCATTGTCTCAGGTAG<2
```

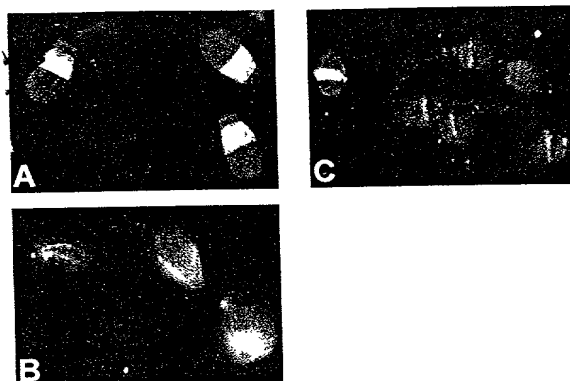
Figs. 4A, 4B

09864291.052501
105250" 16249860



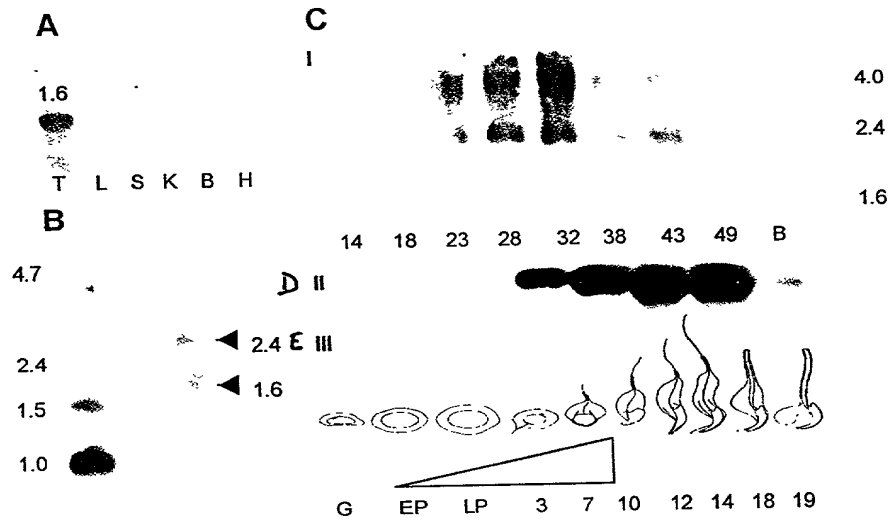
FIGS 5A-5D

09064291 052501
T052501 T6249360

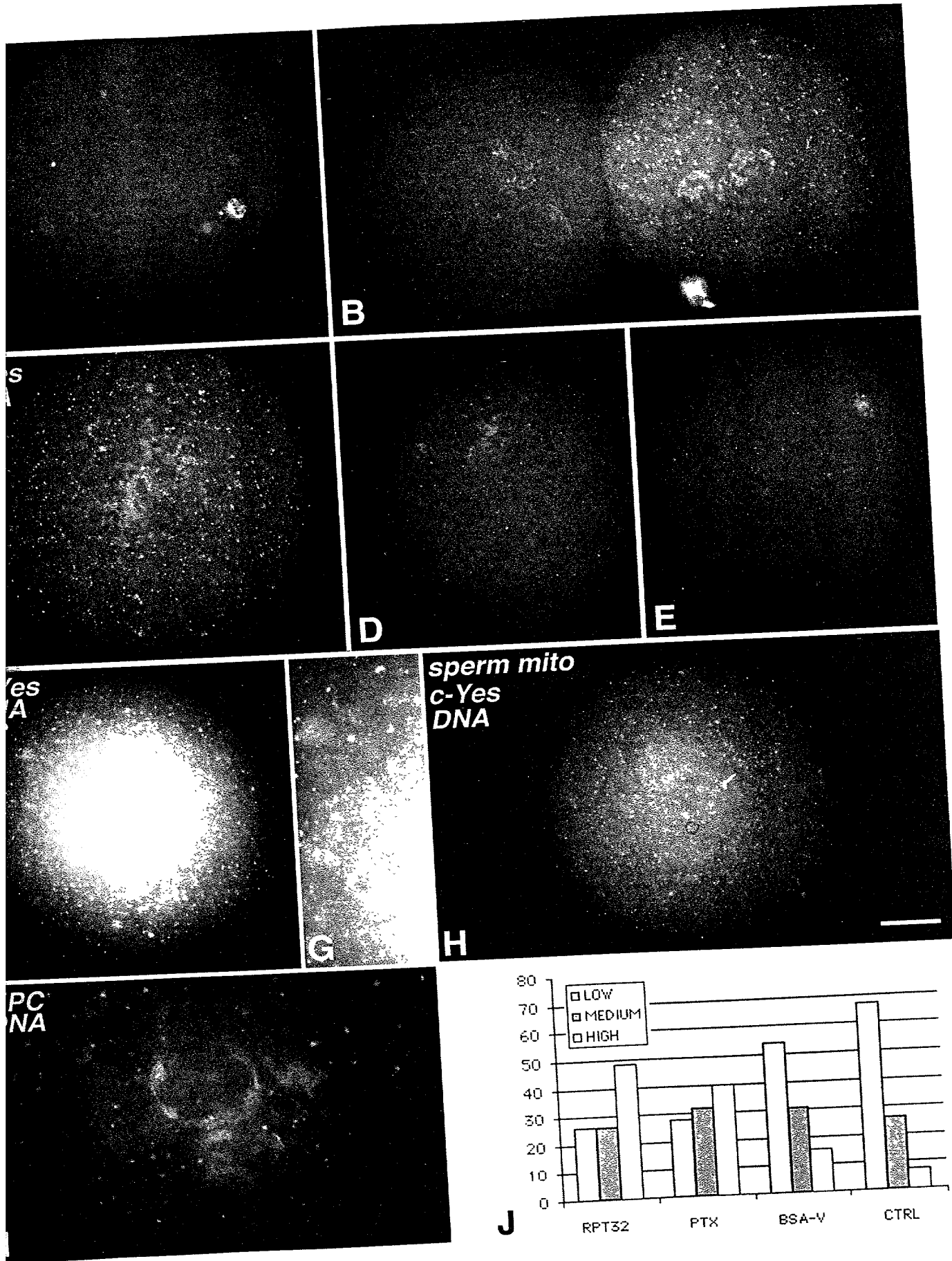


Figs 6A-6C

105250 "16242850

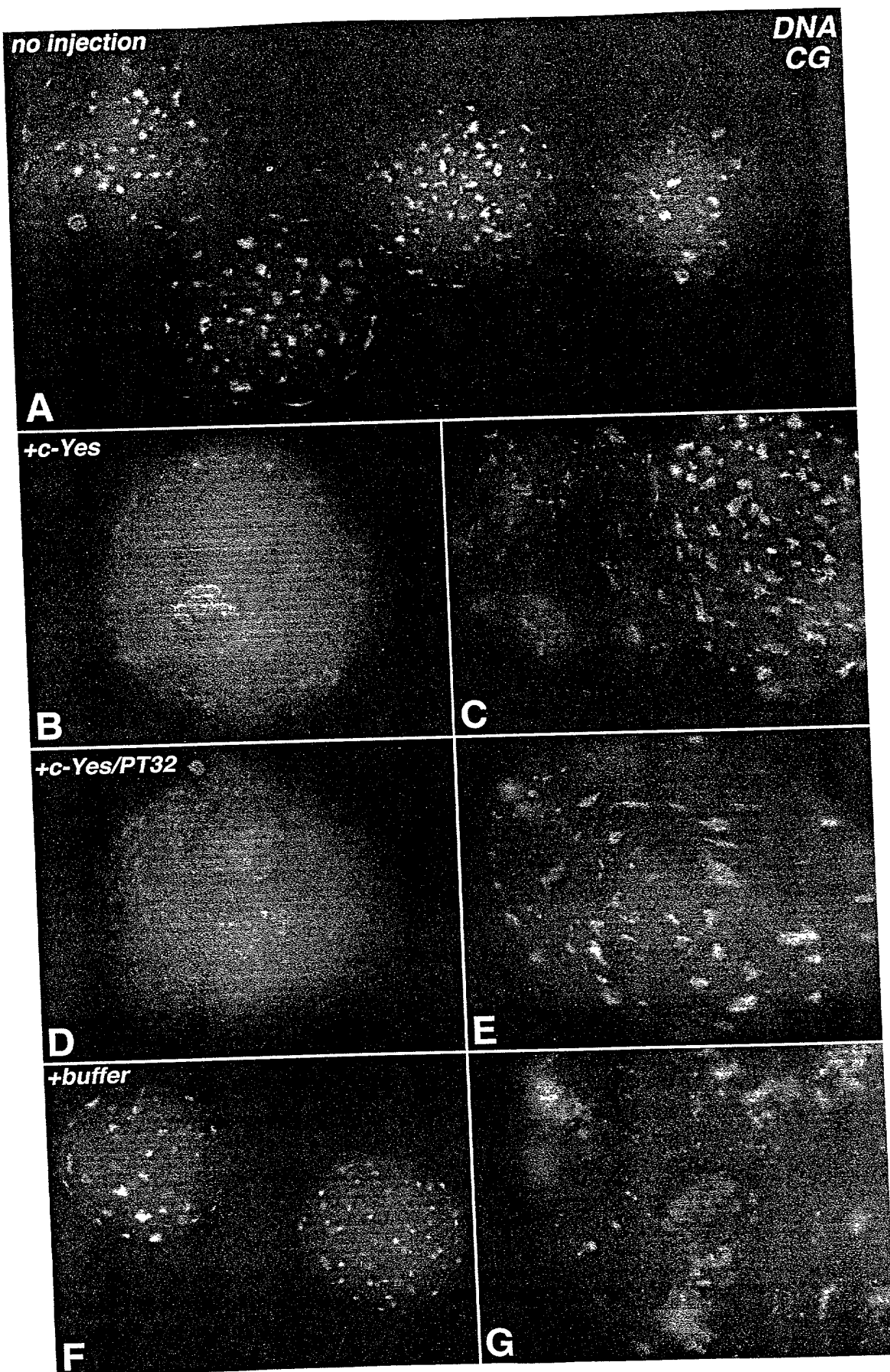


Figs 7A-7E



FIGS 8A-8J

090424 0550 T 0550 16243360



Figs 9A-9G

0004291 052504

```
1 mgciks kedk gpamkyrt dn tpepiss hvs hygsdssqat qspaikgsav nfnshsmtpf
61 ggp sgmt pfg gasssfsavp spypstltgg vtvfvalydy eartdddl sf kkgerfqin
121 nteg dwear siatgktgyi psnyvapads iqaeewyfgx mgrkdaerll lnp gnqr gif
181 lvresettkg ayslsirdwd evrgdnvkhy kirkldnggy yittraqfes lqklvkhyre
241 hadglchklt tvcptv kpgt qglakdawei preslrlevk lgggc fgevw mgtwngttkv
301 aikt lkpgtm mpeaflqeaq imkklrhdkl vplyavvsee piyivtefmt kgsll dflke
361 gegkflklpq lvdmaa qiad gmayiermny ihrdiraani lvgdnlvcki adfglarlie
421 dneytarqga kfpikwtape aalygrftik sdvwsfgill telvtkggrp ypgmvnrevl
481 eqvergyrmp cpqgc peslh elmklcwkkd pderptfeyi qsfledyfta tepqyqpgdn
541 1
```

{SEQ ID NO:20}